

## わが国のイネ遺伝資源における発芽期低温耐性の遺伝変異

Fátima Bosetti<sup>1)</sup>・Camila Montebelli<sup>1)</sup>・Ana Dionísia L.C. Novembre<sup>2)</sup>・Helena Pescarin Chamma<sup>2)</sup>・José Baldin Pinheiro<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>Genetics Department, “Luiz de Queiroz” College of Agriculture, University of São Paulo, Brazil, (<sup>2)</sup>Crop Sciences Department, “Luiz de Queiroz” College of Agriculture, University of São Paulo, Brazil)

生育初期の低温はイネの迅速な発芽や苗立ちを阻害し、生産性を有意に減少させることにもなる。耐冷性イネ品種を育成するためには、遺伝資源の解析が必要である。その解析結果から、遺伝資源が保有する低温下での発芽能力関連遺伝子を主力品種に導入するための基礎的知見が得られる。13°Cで28日間（低温条件）と28°Cで7日間（適温条件）の2条件で日本品種の発芽を評価した。評価形質は適温条件と低温条件での子葉鞘長と

種子根長および低温による子葉鞘長と種子根長の減少率であった。低温条件での発芽関連形質には品種変異が認められ、中にはすべての形質について十分な値を示す品種が認められた。多変量解析に基づいて、低温による子葉鞘長と種子根長の減少率が小さく、低温条件でも子葉鞘と種子根の成長が高いことから、低温耐性品種を同定することができた。

**Breeding Science** 62: 209–215 (2012)

## 冠水耐性遺伝子 *SUB1* を戻し交雑育種によってイネ主要品種に導入する際に、遺伝的背景を表現型指標で選抜する場合と DNA マーカーで選抜する場合の比較検討

Khandakar M. Iftekharuddaula<sup>1)</sup>・Muhammad A. Salam<sup>1)</sup>・Muhammad A. Newaz<sup>2)</sup>・Helal U. Ahmed<sup>1)</sup>・Bertrand C.Y. Collard<sup>3)</sup>・Endang M. Septiningsih<sup>3)</sup>・Darlene L. Sanchez<sup>3)</sup>・Alvaro M. Pamplona<sup>3)</sup>・David J. Mackill<sup>3)</sup>

(<sup>1)</sup>Bangladesh Rice Research Institute, Bangladesh, (<sup>2)</sup>Bangladesh Agricultural University, Bangladesh, (<sup>3)</sup>International Rice Research Institute, Philippines)

冠水耐性遺伝子 *SUB1* を主要イネ品種へ導入する際には、遺伝的背景の DNA マーカー選抜と組み合わせた連続戻し交雑が有効であることが知られているが、費用が嵩むことが難点である。本研究では、冠水耐性遺伝子 *SUB1* 導入の際に、主要イネ品種の遺伝的背景に近づけるために、戻し交雑後代個体の遺伝的背景の表現型指標による選抜と DNA マーカー選抜の有効性について比較検討した。BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> 世代では、遺伝的背景の表現型指標（低値ほど受容親に近似される）と DNA マーカーによって推定された受容親のゲノム量との間に負の相関（相関係数：-0.78）がみられ、BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> 世代では遺伝的背景の DNA マーカーによる選抜を避けるべきことが示された。次に、BC<sub>2</sub>F<sub>1</sub>、BC<sub>3</sub>F<sub>1</sub>、BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub> 世代では、遺伝的背景の表現型指標と DNA マーカーによって推定された受容親のゲノム量との間に相関がみられず、これらの世代では遺伝的背景の表現型指標による選抜が有効で

ないことが示された。さらに、*SUB1* を保有する BC<sub>3</sub>F<sub>1</sub> 個体に導入された *SUB1* 近傍の供与親ゲノム断片が概ね 17 Mb であり連鎖ひきずりがみられた。*SUB1* を保有する BC<sub>3</sub>F<sub>1</sub> 個体の中から、受容親の遺伝的背景に最も近似する表現型指標をもつ個体を自殖させ、得られた戻し交雑組換え自殖系統の中から、*SUB1* を保有し主要イネ品種に最も近い遺伝的背景をもつ系統 (BC<sub>3</sub>F<sub>4</sub>) を得た。以上のように、*SUB1* の DNA マーカー選抜を実施しつつ、BC<sub>3</sub>F<sub>1</sub> 以降の各戻し交雑世代で DNA マーカー選抜した個体の中から受容品種に最も類似した個体を表現型指標によって選抜し、後代系統を育成する方法は、高精度な遺伝子型決定設備を保有しない国や地域において、主要品種に冠水耐性遺伝子 *SUB1* を導入する上でふさわしい方法である。

**Breeding Science** 62: 216–222 (2012)

## 日本水稲品種の出穂期変異は育種選抜形質の QTL 検出を阻む

堀 清純<sup>1)</sup>・片岡知守<sup>2)</sup>・三浦清之<sup>3)</sup>・山口誠之<sup>4)</sup>・坂 紀邦<sup>5)</sup>・中原孝博<sup>6)</sup>・春原嘉弘<sup>7)</sup>・江花薫子<sup>1)</sup>・矢野昌裕<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>農業生物資源研究所, <sup>2)</sup>九州沖縄農業研究センター, <sup>3)</sup>中央農業総合研究センター・北陸研究センター, <sup>4)</sup>東北農業研究センター, <sup>5)</sup>愛知県農業総合試験場, <sup>6)</sup>宮崎県総合農業試験場, <sup>7)</sup>作物研究所)

日本晴とコシヒカリの戻し交雑自殖系統群 (BILs) 100 系統を国内の 6 カ所の試験研究機関で栽培し, 育種選抜時に評価する農業形質を評価した. 調査した 50 形質中, 33 形質が到穂日数と有意な相関を示した. 647 個の一塩基多型 (SNP) を含む連鎖地図を用いた QTL 解析を行い, 38 形質で合計 122 個の QTL を検出した. この中で 58 個は既報の出穂期遺伝子 *Hd16* および *Hd17* の周辺に, 64 個はそれ以外の染色体領域に検出された. 出穂期遺伝子の染色体領域をコシヒカリ型に置換した 51 系統の BILs の QTL 解析では, 40 個の QTL を検出できた. 農業形質の

多くは出穂期の変異に大きく影響を受けるとともに, 多数の遺伝子座によって制御されていた. また, 44 個の QTL は栽培環境によって遺伝効果が変化しており, QTL × 環境交互作用が認められた. 日本水稲品種をさらに改良するためには, 高密度 SNP マーカーを利用して出穂期 QTL を区別しつつ望ましい対立遺伝子を集積した系統を各栽培地域において作出するなど, 新規の選抜手法が必要である.

**Breeding Science** 62: 223–234 (2012)

## ヒマワリのイミダゾリノン耐性関連対立遺伝子は除草剤イマザピルの葉面散布による根バイオマス蓄積の変動において異なる応答をする

Carlos A. Sara · Mariano Bulos · Emiliano Altieri · María Laura Ramos

(Department of Biotechnology, Nidera S.A., Argentina)

“imisun” および “CLPlus” と名付けられた形質は, *Ahas11* 座における 2 つの対立遺伝子により発現制御されているヒマワリのイミダゾリノン除草剤耐性に関係している. 地上部のバイオマスを指標として評価すると, イミダゾリノンの 1 種であるイマザピルに対する耐性程度は 2 つの形質間で異なった. しかし, これまで根系に及ぼす除草剤の影響については報告がない. 本研究の目的は, ヒマワリのイマザピル感受性系統 (*ahas11/ahas11*), imisun 系統 (*Ahas11-1/Ahas11-1*) および CLplus 系統 (*Ahas11-3/Ahas11-3*) を用いて, イマザピル濃度の増大に伴う根バイオマスの変動を分析することであった. V2 ~ V4 の生育時期に 0 ~ 480 g/ha の濃度で除草剤を散布し, 14 日後に根バイオマスを評

価した. *Ahas11* 座における遺伝子型とイマザピルの濃度およびそれらの相互作用により, 除草剤処理後の根バイオマスの蓄積量は減少した. 根バイオマス量を 50% 減少させるイマザピルの濃度 (GR<sub>50</sub>) は, 実験に用いた 3 系統間において 0.1% 水準で有意に異なった. CLPlus 系統は最大の GR<sub>50</sub> を示した. この値は感受性系統よりも平均で 300 倍高く, imisun 系統よりも 8 倍高かった. この結果は, CLPlus 系統と imisun 系統の *Ahas11* 座における異なる対立遺伝子がイマザピルの葉面散布濃度の上昇に対応して, 根バイオマス蓄積の変動において異なる応答を示すことを示唆している.

**Breeding Science** 62: 235–240 (2012)

## AGAMOUS 遺伝子の塩基配列を用いた系統進化学的解析から明らかになった自殖性野生ソバ *Fagopyrum homotropicum* Ohnishi の二倍体および四倍体の起原

富吉満之<sup>1)</sup>・安井康夫<sup>2)</sup>・大迫敬義<sup>3)</sup>・Cheng-yun Li<sup>4)</sup>・大西近江<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>京都大学大学院・地球環境学, <sup>2)</sup>京都大学大学院・農学研究科, <sup>3)</sup>京都府立大学・生命環境科学研究科, <sup>4)</sup>Key Laboratory of Agricultural Biodiversity and Pests Control, Ministry of Education, Yunnan Agricultural University, China)

*Fagopyrum homotropicum* Ohnishi は中国の東チベット, 雲南省および四川省に自生する自殖性の野生ソバであり, 栽培ソバ (*F. esculentum* ssp. *esculentum* Moench) を他殖性から自殖性に転換できる有用な育種素材である. しかしながら, 遺伝資源として重要であるにもかかわらず, *F. homotropicum* の遺伝的変異の解析

はほとんどなされていない. 本研究において我々は核遺伝子 *AGAMOUS* (*AG*) の塩基配列に基づき, *F. homotropicum* の二倍体および四倍体における遺伝的変異と系統関係を調査した. 近隣接合法により, 3 つの大きなグループ (グループ I, II, および III) が見いだされた. 各グループには二倍体および四倍体の

*F. homotropicum* が含まれていた。我々は2つの分化したAG配列を持つ四倍体、すなわちグループIとグループIIに属するAG配列を持つ四倍体、およびグループIIとグループIIIに属するAG配列を持つ四倍体を発見した。この結果は、明確に分化した二倍体間で少なくとも二度の雑種形成が生じ、四倍体が起原し

たことを示唆している。遺伝的に分化した二倍体が四倍体化することによって付与された遺伝的多様性により、*F. homotropicum* はその分布域を中国の北部方向に広げることができたと推定できる。

**Breeding Science** 62: 241–247 (2012)

## 核 SSR マーカーによるサクラ (*Prunus* subgenus *Cerasus*) 栽培品種の識別

加藤珠理<sup>1)</sup>・松本麻子<sup>1)</sup>・吉村研介<sup>1)</sup>・勝木俊雄<sup>2)</sup>・岩本宏二郎<sup>2)</sup>・津田吉晃<sup>3)</sup>・石尾将吾<sup>4)</sup>・中村健太郎<sup>4)</sup>・森脇和郎<sup>5)</sup>・城石俊彦<sup>6)</sup>・五條堀孝<sup>6)</sup>・吉丸博志<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>森林総合研究所, <sup>2)</sup>森林総合研究所・多摩森林科学園, <sup>3)</sup>ウブサラ大学・進化生物学センター, <sup>4)</sup>住友林業株式会社, <sup>5)</sup>遺伝学普及会, <sup>6)</sup>国立遺伝学研究所)

日本にはサクラ (*Prunus* subgenus *Cerasus*) の栽培品種は数多く存在するが、外部形態での識別が困難な場合がある。本研究では、17種類のSSRマーカーを用いて、215栽培品種を識別可能であるか評価した。その結果、半数以上の栽培品種は形態的に異なっており、遺伝子型で区別可能であった。一方で、22栽培品種については、1つの栽培品種のなかに偶発実生に由来すると思われる複数のクローンが混在していた。これらの栽培品種は、接ぎ木や挿し木のみによる増殖では維持されなかったこ

とが示唆された。また、同じ遺伝子型と判定される複数の栽培品種が23組確認された。これらの栽培品種の多くは、外部形態において違いが見られないことから、異名同品種であると考えられる。しかしながら、外部形態で区別できるものもいくつか確認され、枝変わりに由来する可能性がある。SSRマーカーを利用したクローン識別技術を導入することで、サクラの栽培品種間の関係を正確に整理することができた。

**Breeding Science** 62: 248–255 (2012)

## アジアの1年生型野生イネの圃場条件下における他殖率の推定

Phuong Dang Thai Phan・蔭山宏樹・石川 亮・石井尊生

(神戸大学大学院・農学研究科)

アジアの野生イネ (*Oryza rufipogon*) には部分他殖性がみられ、高度な遺伝的多様性が観察される。そこで、この野生種の他殖率を正確に推定するために、まず栽培イネ品種の日本晴を1年生型の野生イネ系統 *O. rufipogon* W630 で戻し交雑し、野生イネの遺伝的背景を持つ2つの戻し交雑系統、R1およびR2を育成した。分子マーカーを用いてこれら系統の染色体構成を調べたところ、92%以上のマーカー座で野生種の染色体断片が確認された。また、雌ずい、雄ずいおよび穎花に関する形質を調査したところ、R1系統は戻し交雑親の *O. rufipogon* W630 と同じ花器形態を示したが、R2系統は内外穎のサイズが大きかった。圃場試験は2005年、2006年および2008年の3年間、計22の戻し交雑個体をそれぞれ *O. rufipogon* W630 の圃場区画の中央

部に配置し、自然条件下における他殖率を調査した。そして、それぞれの戻し交雑個体の後代をマイクロサテライトマーカーを用いて自殖もしくは他殖由来の種子かを判定した結果、R1系統の個体当たりの他殖率は4.04%から25.50%の広い範囲で観察され、平均値は10.20%であった。このことは野生イネの他殖は多くの環境要因に影響されやすいことを示唆している。R2系統の個体当たりの他殖率も幅広い変異を示した。R1系統とR2系統の他殖率の平均値の間には有意な違いは見られなかったことから、内外穎のサイズの違いは野生イネの他殖率にあまり影響しないことを示唆している。

**Breeding Science** 62: 256–262 (2012)

## チャ (*Camellia sinensis*) の高密度基準連鎖地図の構築

谷口郁也<sup>1,2)</sup>・古川一実<sup>1,3)</sup>・太田(目徳)さくら<sup>1)</sup>・山口信雄<sup>1,4)</sup>・氏原ともみ<sup>5)</sup>・河野いづみ<sup>6,7)</sup>・福岡浩之<sup>8)</sup>・田中淳一<sup>1,2,9)</sup>

(<sup>1)</sup>野菜茶業研究所・枕崎茶業研究拠点, (<sup>2)</sup>筑波大学大学院・生命環境科学研究科, (<sup>3)</sup>現:沼津工業高等専門学校, (<sup>4)</sup>現:広島大学大学院・理学研究科附属臨海実験所, (<sup>5)</sup>野菜茶業研究所・金谷茶業研究拠点, (<sup>6)</sup>STAFF 研究所, (<sup>7)</sup>現:理化学研究所・脳科学総合研究センター, (<sup>8)</sup>野菜茶業研究所, (<sup>9)</sup>作物研究所)

チャではこれまでに、Pseudo-testcross 理論に基づき、優性マーカーによって連鎖地図が作成されてきた。しかし、優性マーカーは広範な材料に汎用的に利用できるランドマークマーカーとしては不向きである。そこで我々はゲノムおよび EST から共優性の SSR マーカーを開発し、これらをランドマークとして基準連鎖地図を作成した。品種「さやまかおり」と「金-Ck17」の正逆交雑に由来する F<sub>1</sub> 集団 54 個体を連鎖解析に利用した。F<sub>1</sub> 集団を BC<sub>1</sub> 集団とみなし、両親の連鎖地図が作成された。ほとんどのマーカーの順序は両親間で矛盾が無かった。我々は両親の

連鎖地図にマップされたマーカーのデータを統合し、コアマップを作成した。コアマップは総延長 1,218 cM であり、連鎖群の数はチャの染色体基本数である 15 に一致した。ここに、それぞれの連鎖群について両親の連鎖地図でコアマップを挟み込む形式の 441 SSRs, 7 CAPS, 2 STS and 674 RAPDs から成る統合連鎖地図を示す。作成された連鎖地図はチャの基準連鎖地図として利用できる。

**Breeding Science** 62: 263–273 (2012)

## 日本の圃場条件下での花粉源 (*B. napus*) からレシピエント (*B. juncea*) への距離と *Brassica juncea* × *B. napus* の交雑率の関係

津田麻衣<sup>1)</sup>・奥崎文子<sup>1)</sup>・金子幸雄<sup>2)</sup>・田部井豊<sup>1)</sup>

(<sup>1)</sup>農業生物資源研究所・遺伝子組換え研究センター, (<sup>2)</sup>宇都宮大学・農学部)

輸入されている遺伝子組換えキャノーラ (*Brassica napus*) 種子がこぼれ落ちて、輸入港周辺の道路沿いで自生することが確認されている。*B. napus* の近縁種で、*B. napus* との種間交雑親和性が高い *B. juncea* は、日本中に分布している。自生する遺伝子組換え *B. napus* が生物多様性に与える悪影響について社会的な関心が高まっているが、こぼれ落ちて自生する *B. napus* と雑草として自生する *B. juncea* 集団間の自然交雑についてはほとんど明らかにされていない。そこで、*B. juncea* × *B. napus* の距離と交雑率の関係を評価するために、突然変異由来の除草剤耐性 *B. napus* 「Bn0861」を花粉源として用い種間雑種の選抜を行った。

レシピエントの *B. juncea* 栽培品種「黄からしな」を栽培した圃場の中心に Bn0861 を栽培した。2009 年の自然開花条件下における試験では、雑種は検出されなかった。しかし、2010 年に人為的に花粉源の開花期を重複させる条件に設定したところ、混植区で 1.62% の交雑率であった。交雑率は、花粉源から遠ざかると急激に減少しており、交雑親和性の高さから想定されるより、圃場条件下での交雑率は低かった。以上の結果から、こぼれ落ち種子から自生した *B. napus* と雑草として自生する *B. juncea* 間の交雑率は、自然環境においては起こり難いことが示唆された。

**Breeding Science** 62: 274–281 (2012)

## 根こぶ病原菌 (*Plasmodiophora brassicae*) グループ 3 に対するハクサイ (*Brassica rapa* L.) の抵抗性遺伝子座の同定

加藤丈幸<sup>1,2)</sup>・畠山勝徳<sup>2)</sup>・吹野伸子<sup>2)</sup>・松元 哲<sup>2)</sup>

(<sup>1)</sup>三重大学大学院・生物資源学研究所, (<sup>2)</sup>野菜茶業研究所)

ハクサイ (*B. rapa*) において、根こぶ病抵抗性 (CR) 遺伝子 *Crr1* と *Crr2* は Ano-01 菌および、病原性の強い Wakayama-01 菌に有効であるが、グループ 3 菌系に属する No. 14 菌には抵抗性を発揮しない。F<sub>1</sub> 品種「秋理想」は No. 14 菌に抵抗性を示すことから、より多くの菌系に対する抵抗性の付与を図るため、我々

は「秋理想」の抵抗遺伝子座の同定を試みた。その結果、本品種の抵抗性遺伝子は優性の一遺伝子として機能し、「CR 新黄」の持つ抵抗性遺伝子座 *CRb* 近傍のマーカーと連鎖していた。さらに *CRb* 座周辺に新たなマーカーを開発し、「秋理想」および「CR 新黄」の部分連鎖地図を構築し比較した。その結果、両品

種の抵抗性遺伝子座および共通マーカーの位置は極めてよく似ており、また、No. 14 菌に対する F<sub>2</sub> 世代の抵抗性分離様式も、両品種は非常に類似していた。以上の結果から、「秋理想」の有する CR 遺伝子座は *CRb*、あるいはそれに極めて近い遺伝子座

であることを示唆する。本研究における新規のマーカーは既報のマーカーよりも *CRb* の近傍に座乗しており、マーカー選抜を利用したハクサイの育種において有用である。

**Breeding Science** 62: 282–287 (2012)

## ポプラ傷害誘導遺伝子の過剰発現によるオオタバコガ (*Helicoverpa armigera*) 幼虫に対する抵抗性の向上

Rongfeng Hu · Jiehua Wang · Yan Jin · Yingjin Song · Shaohui Yang

(School of Agriculture and Bioengineering, Tianjin University, China)

種間雑種であるポプラ (*Populus trichocarpa* × *P. deltoids*) から単離された PtdKTI5, PtdWIN4, PtdPOP とアメリカヤマナラシ (*Populus tremuloides*) から単離された PtKTI2 の 4 遺伝子がシロイヌナズナに導入された。発現量は RT-PCR によって検証されている。4 つの遺伝子が導入された組換えシロイヌナズナを撰

食させたオオタバコガ幼虫の器官形成、体重、生存性は研究室内で評価された。ポプラ防御関連遺伝子がオオタバコガ幼虫時の活性や幼虫後の器官形成に様々な程度に作用しており、草食性昆虫に対する抵抗性の向上に利用できる可能性を示した。

**Breeding Science** 62: 288–291 (2012)